

Thesepapier

Seminar-Thema: Sequenz-Alignment
Referent: Jan Schäfer
Datum: 19.02.2007
Ort: Fachhochschule Giessen-Friedberg
Leiter: Prof. Dr. Klaus Quibeldey-Cirkel

Einleitung:

Sequenz-Alignment ist eine Methode um Zeichenketten zu analysieren. Hauptsächlich werden Sequenz-Alignments im Bereich der DNA-Analyse eingesetzt. Jedoch sind viele andere Einsatzgebiete, wo die „scharfe“ Logik der Informatik auf die „unscharfe“ Kriterien der Umwelt stößt denkbar. Der Vortrag sieht das Sequenz-Alignment aus „Benutzersicht“ und versucht den Zuhörern das Problem der automatisierten Erkennung von Ähnlichkeit zwischen virtuellen Objekten näher zu bringen.

Thesen:

1. „Ähnlichkeit schließt die vollkommene Gleichheit aus.“
Damit Objekte das Merkmal der Ähnlichkeit erfüllen, müssen sie auch unterschiedliche Eigenschaften aufweisen. Sind keine Unterschiede vorhanden spricht man von Gleichheit oder Identität.
2. „Der Grad der Ähnlichkeit bemisst sich nach dem Verhältnis der gemeinsamen zu den unterscheidenden Eigenschaften“
Bei dem Vergleich von Objekten steigt der Grad der Ähnlichkeit mit der Anzahl der gemeinsamen Eigenschaften.
3. „Um eine Ähnlichkeit in Worten zu entdecken, gibt es in der Informatik keine grundlegende Operation“
Um Gleichheit zwischen Objekten festzustellen kann in der Informatik den direkten binären Vergleich anwenden. Beispielsweise besitzt in der Java-API jede Klasse eine *equals*-Methode, mit der es möglich ist Gleichheit zwischen zwei Objekten der jeweiligen Klasse festzustellen.
4. „Die optimale Lösung für ein Problem der Größe n setzt sich aus optimalen Teillösungen kleinerer Größe zusammen.“
Zur Lösung eines großen komplexen Problems wird das Problem in viele kleine „Teilprobleme“ zerlegt. Sind alle Teilprobleme gelöst können diese Teillösungen zur Beseitigung des Gesamtproblems genutzt werden.

Literaturverzeichnis:

Multiple Alignments:

http://www.dkfz.de/ibios_old/lectures/bi1_ws0304/Paar101103_Mobitec.pdf

Sequenz-Alignments Grundlagen:

http://www.bioinf.uni-freiburg.de/~mmann/web/Subpages/Courses/FR_BioInfo/SS06/vorl-bioinf-SS06-01.pdf

NeoBio-API:

<http://neobio.sourceforge.net/>

Wiki-Artikel zu dem Thema „Ähnlichkeit“:

<http://de.wikipedia.org/wiki/%C3%84hnlichkeit>

